

**DISEÑO DE PARTIDORES PARA PCR REPETITIVO MÚLTIPLE POR MEDIO  
DE HERRAMIENTAS COMPUTACIONALES Y SU APLICACIÓN PARA  
DISCRIMINAR UN GRAN NÚMERO DE ESPECIES Y CEPAS BACTERIANAS**

**O'CAR JOHANN ETHEL CAMPOS CAMPOS  
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA**

**RESUMEN**

En este trabajo se llevó a cabo el análisis de 193 genomas bacterianos de interés con el fin de encontrar un conjunto de partidores para rep-PCR múltiple capaces de discriminar un gran número de especies y cepas bacterianas del conjunto de 193 genomas entregados. El análisis fue realizado *in silico* por medio de recursos y herramientas computacionales desarrolladas en el transcurso de la memoria que incluyen el uso de algoritmos genéticos para la optimización de soluciones. Dentro de los análisis realizados se encuentran la búsqueda de elementos altamente repetitivos en genomas bacterianos, agrupamiento de genomas, indexaciones de secuencias, filtros y optimización de partidores. El conjunto final de 15 partidores encontrado fue capaz de diferenciar 7 especies bacterianas diferentes y capaz de diferenciar entre cepas de 2 especies diferentes concluyendo que sí es posible realizar diferenciación intra e inter especie por medio de esta técnica. A pesar de que se encontró un conjunto de partidores capaces de realizar diferenciación inter e intra especie, se concluye que son necesarios análisis más exhaustivos para aumentar el poder de discriminación de los conjuntos de soluciones, los cuales se puedan encontrar con la metodología propuesta o por medio del desarrollo de variantes más eficientes que la desarrollada en esta memoria.

Palabras claves: rep-PCR, Algoritmos genéticos, genotipificación.

### **ABSTRACT**

In this work, the analysis of 193 bacterial genomes was carried out with the aim of finding a set of primers for multiplex rep-PCR, capable of differentiation of a great number of both species and strains of the 193 given bacterial genomes. The analysis was performed *in silico* through the use of different computational resources and tools that were developed during the working period. Among these tools are genetics algorithms, which were employed for optimization of the solutions. The analysis included search of highly repeated sequences in bacterial genomes, clustering of genomes, sequences indexation, filtering and optimization of primers. The best set found of 15 primers was capable of differentiation 7 distinct bacterial species and distinguish between strains of 2 different species, concluding that the differentiation between species and strains through the use of this technique is possible . Despite having found a set of primers capable of differentiating both inter and intra species, we concluded that new analyses are necessary to improve the discrimination rate of the primers sets, which can be found either with the proposed methodology or through the development of new methodologies modeled on the one proposed in this work to obtain better results than those obtained in this thesis.